

[illegible]

Fig. 1A

BEST AVAILABLE COPY

G	S	V	A	C	P	P	P	A	Y	C	N	T	P	P	P	P	Y	E	166		
GGG	AGT	GTG	GCC	TGC	CCG	CCC	CCT	CCA	GCC	TAC	TGC	AAC	ACG	CCT	CCG	CCC	TAC	GAA	632		
Q	V	V	K	A	K	*													173		
CAG	GTA	GTG	AAG	GCC	AAG	TAG													653		
TGGG	GTG	CCCA	CGT	GCA	AGAG	GAG	ACAG	GAG	GGCC	TTT	CCCT	GGCC	TTT	CTG	TCT	TCG	TGAT	GTTC	ACTTCCAG	732	
GAAC	GGT	CTC	GTG	GGT	GCT	TAAG	GGC	AGTT	CCCT	CTG	ATAT	CCCT	CAC	AGCA	AGCAC	AGCT	CTCT	TTC	AGGCTT	TCCATGG	811
AGTA	CAAT	ATAT	ATGA	ACT	CAC	ACT	TTG	TCT	CTG	TTG	CTT	CTG	TTT	CTG	ACG	CAG	TCT	GTG	CTCT	CACATGGTAGTGT	890
GGTG	ACAG	TCCCC	GAGG	CTG	ACG	TCC	TAC	GGT	GGCT	GAC	CGT	CCCT	TAC	GGT	GGCT	GAC	AGAT	CTAC	AGG	AGAGACTGAGAGGAGAAAGGCAG	969
TGCT	GGAG	GTG	CAG	GTGG	CA	TGTAG	AGGG	CCAG	CGG	AGCAT	CCAG	GCAT	CCAG	GCAT	CCCT	TCT	GCCC	GGTAT	TAA	TAGG	1048
AAGC	CCCAT	GCC	GGG	GGT	CAG	CCG	ATGA	AGC	AGC	AGC	CGG	ACTG	AGCT	GAG	CCG	CAG	CGT	CA	TCT	GCTCCAGCCTGT	1127
CCCT	CTG	CAG	CCCT	CTT	CCAG	AAG	CTG	TTG	GAG	AGAC	ATTC	AGG	AGAG	CAAG	CCCT	TGT	CA	TG	TCT	TGTCT	1206
CTGT	TCA	TAT	CTTA	AGAT	AGACT	TTCT	CTG	CA	CCG	CCAG	GGAG	GTAG	CAC	GTG	CAG	CTCT	CAC	CGC	AGG	ATGGGGC	1285
CTAGA	ATC	AGG	CTTG	CCCT	TGG	AGG	CTG	AC	AGT	GAT	CTG	AC	ATCC	ACTA	AGCA	AAAT	TAT	TAA	ATTC	ATGGGAAATCA	1364
CTTCT	GCCCC	AACT	GAG	ACAT	TG	CA	TTT	TG	AG	CTCT	TG	CTG	ATTT	GG	AGAA	AGG	ACTG	T	TAC	CCATTTT	1443
GTGT	TTT	ATG	GAA	GTG	ATG	AG	CGT	CTC	CTG	CCCT	TTG	AAAT	CAG	ACT	GGG	GTG	TG	TCT	CCC	TGGACATCACTGC	1522
CTCT	CCAG	GGCAT	TTCT	CAG	CCCG	GGT	CTC	CTT	CCCT	CAG	GCAG	CTC	CAG	TCC	AGT	GGT	TCT	GAA	GGT	GCTTTCAA	1601
ACGG	GGCAC	ATCT	GG	CTGG	GAAG	TC	ACAT	GG	ACTCT	TCC	AGG	AGAG	AGAC	CCAG	CTG	AG	CGT	CTCT	CTG	AGGTTGT	1680
GTTGG	GTCT	AA	CGGG	GTG	TG	TG	CTGG	CTCC	AGG	AGG	AGG	AGCT	TG	CTGG	AAA	AGAC	AGG	AGT	ACT	GACTCAAC	1759
TGCA	CTG	ACCAT	GTG	TCA	TAA	TTAG	AA	TAA	AGAA	AGT	GGT	CG	AAAT	GC	ACAT	TCC	TG	ATAG	GAAT	CACAGCTCA	1838
CCCC	AGG	ATCT	CAC	AGG	TAG	TCT	CC	TG	AGT	AGT	TG	AC	GGG	GAG	CTAG	TTCC	GGC	GCAT	AGTT	ATAGTGTGA	1917
TGTGT	GAAC	GTG	AC	CTG	AC	CTG	TG	CTG	TAAG	AGCT	ATG	CAG	CTT	AG	CGC	CTAG	ATTA	CTAG	ATG	TGCTGTAT	1996
CACG	GGAA	TGAG	GTGG	GTG	CTT	ATTT	TTA	TGAA	CTAAT	CAG	AGC	CTCT	TG	AG	AAAT	TGTT	ACT	CA	TGAA	CTGG	2075
AGCA	TCA	AGAC	ATCT	CA	TGGA	AGT	GGAT	AC	GGAG	TGAT	TTGG	TG	TCC	ATG	CTTT	TCA	CTCT	GAG	GACAT	TTAATCGGAG	2154

Fig. 1B

AACCTCCTGGGGAATTTGTGGGAGACACTTGGGAACAAAACAGACACCCCTGGGAATGCAGTTGCAAGCACAGATGCTG 2233
 CCACCCAGTGTCTCTGACCAACCCCTGGTGTGACTGCTGACTGCCAGCGTGGTACCTCCCATGCTGCAGGCCCTCCATCTAAA 2312
 TGAGACAACAAAGCACAAATGTTCACTGTTTACAACCAAGACAACTGCGTGGTCCAAACACTCCTCTTCTCCAGGTCA 2391
 TTTGTTTTTGCAATTTTAAATGTCTTTATTTTGTAAATGAAAAGCACACTAAGCTGCCCCCTGGAATCGGGTGCAGCTGA 2470
 ATAGGCACCCCAAAGTCCGTGACTAAATTTTCGTTTGTCTTTTGTATAGCAAAATTAATGTTAAGAGACAGTGGCTAGG 2549
 GCTCAACAAATTTGTATTTCCCATGTTTGTGTGAGACAGAGTTTGTTCCTTCCCTTGAACCTGGTTAGAAATTTGTGCTACTGT 2628
 GAACGCTGATCCTGCATATGGAAGTCCCACTTTGGTGACATTTCTTGCCCATTTCTTGTTCCTATTGTGTGGATGGTGGG 2707
 TTGTGCCCACTTCCCTGGAGTGAGACAGCTCCTGGTGTGTAGAAATTCCTGGAGCGTCCGTGGTTCAGAGTAAACTTGAAG 2786
 CAGATCTGTGCATGCTTTTCCCTCTGCAACAAATGGCTCGTTTCTCTTTTGTCTCTTTTGTATAGGATCCTGTTTCTCT 2865
 ATGTGTGCAAAATAAAATAAATTTGGGCAAAAAAATAAAAAAATAAAAAAATAAAAAAATAAAAAAATAAAAAAATAAAAAA 2944
 AAAAAAAGGGGGCGGC 2964

Fig. 1C

GTCGACCCACGCGTCCGGCCGCGGCTCCTTCTGCCGGGCTTCAGCTCGTATCCCCGGAGTCCACCCGCCCGTCCCCGGGGT 79
 M G R R L 5
 GCGGACTGGCCCTGAGCTGGCCGTACAGCCCGGCTTCGGACGGTCCCTCGCTGGAGCC ATG GGC CGC CGG CTC 151
 G R V A A L L L G L L L L V E C T E A K K H 25
 GGC AGG GTG GCG GCG CTG CTG CTC GGG CTG CTA GTG GAG TGC ACT GAG GCC AAA AAA CAT 211

Fig. 1D

C	W	Y	F	E	G	L	Y	P	T	Y	Y	I	C	R	S	Y	E	D	C	45
TGC	TGG	TAT	TTT	GAA	GGA	CTC	TAT	CCC	ACA	TAC	TAT	ATA	TGC	CGT	TCC	TAT	GAA	GAC	TGC	271
C	G	S	R	C	C	V	R	A	L	S	I	Q	R	L	W	Y	F	W	F	65
TGT	GGC	TCC	AGG	TGC	TGT	GTG	AGG	GCC	CTT	TCC	ATA	CAG	AGG	CTG	TGG	TAT	TTT	TGG	TTC	331
L	L	M	M	G	V	L	F	C	C	G	A	G	F	F	I	R	R	R	M	85
CTG	CTG	ATG	ATG	GGT	GTG	CTG	TTC	TGC	TGT	GGT	GCC	GGT	TTC	TTC	ATT	CGC	CGG	CGC	ATG	391
Y	P	P	P	L	I	E	E	P	T	F	N	V	S	Y	T	R	Q	P	P	105
TAT	CCG	CCA	CCA	CTC	ATT	GAG	GAG	CCC	ACA	TTC	AAT	GTG	TCC	TAT	ACC	AGG	CAG	CCA	CCA	451
N	P	A	P	G	A	Q	Q	M	G	P	P	Y	Y	T	D	P	G	G	P	125
AAT	CCT	GCT	CCA	GGA	GCA	CAG	CAA	ATG	GGA	CCG	CCA	TAT	TAC	ACC	GAC	CCT	GGA	GGA	CCC	511
G	M	N	P	V	G	N	T	M	A	M	A	F	Q	V	Q	P	N	S	P	145
GGG	ATG	AAT	CCT	GTT	GGC	AAT	ACC	ATG	GCT	ATG	GCT	TTC	CAG	GTC	CAG	CCC	AAT	TCA	CCT	571
H	G	G	T	T	Y	P	P	P	P	S	Y	C	N	T	P	P	P	P	Y	165
CAC	GGA	GGC	ACA	ACT	TAC	CCA	CCC	CCT	TCC	TCC	TAC	TGC	AAC	ACG	CCT	CCA	CCC	CCC	TAT	631
E	Q	V	V	K	D	K	*													173
GAA	CAG	GTG	GTG	AAG	GAC	AAG	TAG													655
CAAGATGCTACATCAAGGCAAGAGGATGGACAGGCCCTTTGTTTACCTTCCCATCCTCACCAGATACTTGCTGATAG																				734

Fig. 1E

GGTGGTCCAAAGGAAAACTTGGATATTCTCAAAGCAAGCCCCAGCTCTCTTTCAAGTCTTTTGTGGAGGACATTTGAATC 813
CACACTGTCTCCTCTGTGCTTCTGTCTCTGTGCTCTCTGAGAGAGTGTGGCAACAGTCCCTGAGGGTT 892
GATATTCCTAGGGTGTCCAGGGTAGATCCTCGGAGAGAGGCTAAGGGAAAGGAAGGCATAGCCTGTGTGTAGGGGG 971
CAGATAAAGTGTGAGCTGAGATAAGACTCACATGATGCAGTAGTTGGCAGTGAACCTTCGAAAGAGACACTATCCACCA 1050
TCCAGCCCATCTCCTAATAGAAAGCTGTGGGGCTGTGTTGTTGATGCTCTTTGGTCTCCACTCACATTTTGAAAAATAG 1129
GCTTTCCTCTGCAGGAATAGGAAAGACCCCAAGTACATATTGCTTCCACTTAAAAATGAGGGTCAGAACCCAGGCCTCAG 1208
TTGGACATCTATAGTTAAATAAAGGCCATTAGAGAGGGGAAATCTTTAAGTTAGGGGAAATTCCTAAATGGAGACATT 1287
GCGTTTATGAATCATCGTCTGGCTTTCTTTTAGTGCATGATTTGAAGTGAGGGTGTCTCTTTGAGATCAGATGGGGAG 1366
AGTGAACCTCTGCGGGGGTGGGGTGTCTCTACTCAGAGGGCTCCAACACCCTTTCTTAGGTAGTTCTGTGATGGGTT 1445
TTATGGGCACTATAGAGCTGAGGGGCACATTAGGCCGGGTAGTTACATTTGACCCCTTGGAGAGGAAAGGACAGCCAAAG 1524
AAACTCAGCAAAAGCAAGACCAGCATTTGCTGAGTTAGAGCTAGGGTTGTATGTGATCCCAACAGAGAGATGTGCTGGCCTCA 1603
GAAGAGGGGACGTTTGTGGATAGAGCCGTGAAAACCTACTTAGTTGCACAGATGACATAAATCAAAAGTAGAGAAAGAAAG 1682
TGAGTTAGAGATGCCATTTCCAGGTGAGAAATCAGAGCTCATCCATAGATTTACAAGTAGTGGCTGGAGTTAACAGTA 1761
TGGAGTCTTTTCCCTTGCCTAGTTAGTCACGTTGATGTGATTTAAACCCAGTTGAGACCTTGTGTACTAAGAGCAA 1840
GGAAGTATAGCTAAGATGTCTAGATTATTATATGATAGTATGTTGGGAGTGGGCTGCAAGGAAGGGGCTGACATTG 1919
TAAATGAGAAAAATCAGAGCCATTTGATAAACTGTTACTTTGGATCAGGCATCCAAAAAGTGTCTCTTGTAGTGGACATT 1998
GAGTATTCTTTACCACCTACAAGACCAGGAGGCATGGTGTCAATCTCCATTGGGGTATTTATATGAGGTAGAGGTTTCAG 2077
GAATCGACAGTAGCTGTGTGGCTTAGTTTAAAGGACTGAAAGCATAGGGACTGGTAGACAGTTTCATAGGAAACTGCCG 2156
GGAAGGAATGGATACCTTTAAAGACAGTTTGTGGATGCAGATGCTGCCACCCATCATTTGAGCACCCCTTGTGTCTCTGGC 2235
TTCCCTGTCACTGGATCCAGTACCCCTCCATGCTTGGGTCCCTGTTTACATAAGACAAACAAAGCACAAATGTCTGTGTT 2314
TACAAATCAAGACGACTACATGGTCCCAACATTTCTCTCTCTATCACTTGTGGCTTTAACTTCCATTTCCCTCCGTT 2393
CCTTTTAAAAATCAAGAAGCACAGTCAGAGCTGCCCTGGGATTCATCAGGAAACGGCTGATCAAGGCATTCAGTGTC 2472
CATGACTAAATCTTATCTTTTGTATAGCAAAATCCTTTTAAAGAACTGAACAAATTGCTAAGGCTCAGCAATTTTATACTC 2551
CAATGTCTGTGAAGTAAATTTTGTGTTTGGCCATTGAGCCACATTTGGAATTCCTTCTGACGTCACACACTGACAATGCCT 2630
ATGGAAATTGCACCTCTGGGTATATGTCCCAGCATCCTTGTTTCTTATGTTTGGTGAGTAAGGCTCACCCCTTCCAGC 2709

Fig. 1F

AGCTCTACTTCTGTGCTGAGGTCCTGTAGAGCCGGGCTTGGCACAGACATGAGGCAGACTTGTGCATGCTCTTC 2788
 TTGGCAACACTTGGCTCATATTCTTCTCTTTGATAGAGTCCTGTTCCTATGTATTTAAAAAATAATAAAGTG 2867
 AATTAGTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGGCGGCGCGC 2915

Fig. 1G

	10	20	30	40	50	60	70
Hum.	MRRQPAKVAALLGLLLECTEAKKHCWYFEGLYPTYYICRSYEDCCGSRCCVRALSIQRLWYFWFLMMG						
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	MGRRLGRVAALLGLLVECTEAKKHCWYFEGLYPTYYICRSYEDCCGSRCCVRALSIQRLWYFWFLMMG						
	10	20	30	40	50	60	70
Hum.	VLFCGAGFFIRRRMYPPPLIEEPAFNVSYTRQPPNPGGAQQPGPPYYTDPGGPMNPVGNMAMAFQV						
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	VLFCGAGFFIRRRMYPPPLIEEPTFNVSYTRQPPNPAPGAQQMGPPYYTDPGGPMNPVGNMAMAFQV						
	80	90	100	110	120	130	140
Hum.	PPNSPQGSVACPPPPAYCNTPPPPYEQVVKAK						
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	QPNSPHGTTYPPPPPSYCNTPPPPYEQVVKDK						
	150	160	170				

Fig. 1H

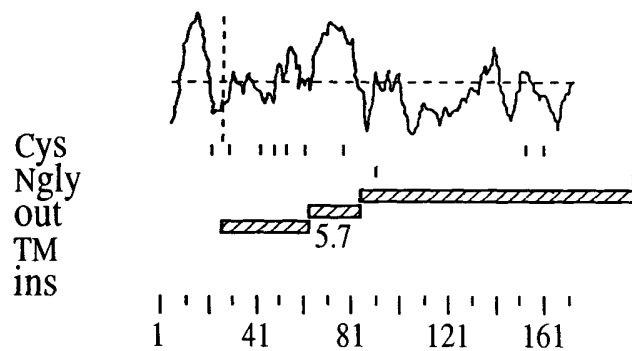


Fig. 1I

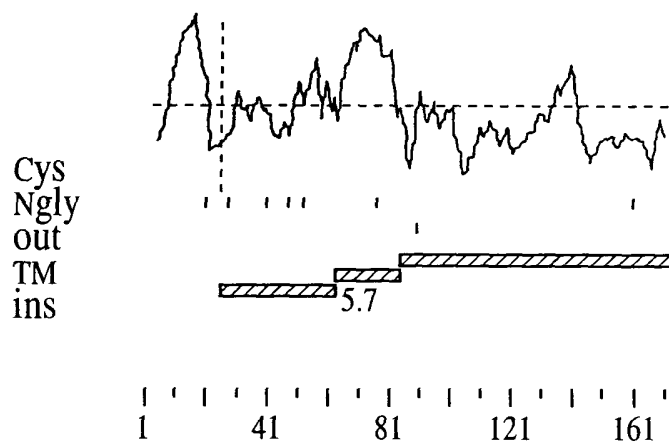


Fig. 1J

0976554-01101

GTCGACCCACGCGTCCGAAATGTCGTTCTTCAGATTAAAAAGAAAACCTTTACTGAATCAGCTGAGTGTTAATAATA	79
CGAATTTCCTTTTCTTGCCAAATCTGATCTGAACAGAAAAATCCAAGAACAGGGAT ATG TGT GGA TTA CAG TTT	6 152
S L P C L R L F L V V T C Y L L L L L L H	26
TCT CTG CCT TGC CTA CGA CTG TTT CTG GTT GTT ACC TGT TAT CTT TTA TTA CTC CAC	212
K E I L G C S S V C Q L C T G R Q I N C	46
AAA GAA ATA CTT GGA TGT TCG TCT GTT TGT CAG CTC TGC ACT GGG AGA CAA ATT AAC TGC	272
R N L G L S S I P K N F P E S T V F L Y	66
CGT AAC TTA GGC CTT TCG AGT ATT CCT AAG AAT TTT CCT GAA AGT ACA GTT TTT CTG TAT	332
L T G N N I S Y I N E S E L T G L H S L	86
CTG ACT GGG AAT AAT ATA TCT TAT ATA AAT GAA AGT GAA TTA ACA GGA CTT CAT TCT CTT	392
V A L Y L D N S N I L Y V Y P K A F V Q	106
GTA GCA TTG TAT TTG GAT AAT TCT AAC ATT CTG TAT GTA TAT CCA AAA GCC TTT GTT CAA	452
L R H L Y F L F L N N N F I K R L D P G	126
TTG AGG CAT CTA TAT TTT CTA TTT CTA AAT AAT TTC ATC AAA CGC TTA GAT CCT GGA	512

Fig. 2A

I F K G L L N L R N L Y L Q Y N Q V S F	146
ATA TTT AAG GGA CTT TTA AAT CTT CGT AAT TTA TAT TTA CAG TAT AAT CAG GTA TCT TTT	572
V P R G V F N D L V S V Q Y L N L Q R N	166
GTT CCG AGA GGA GTA TTT AAT GAT CTA GTT TCA GTT CAG TAC TTA AAT CTA CAA AGG AAT	632
R L T V L G S G T F V G M V A L R I L D	186
CGC CTC ACT GTC CTT GGG AGT GGT ACC TTT GTT GGT ATG GTT GCT CTT CGG ATA CTT GAT	692
L S N N I L R I S E S G F Q H L E N L	206
TTA TCA AAC AAT AAC ATT TTG AGG ATA TCA GAA TCA GGC TTT CAA CAT CTT GAA AAC CTT	752
A C L Y L G S N N L T K V P S N A F E V	226
GCT TGT TTG TAT TTA GGA AGT AAT AAT TTA ACA AAA GTA CCA TCA AAT GCC TTT GAA GTA	812
L K S L R R L S L S H N P I E A I Q P F	246
CTT AAA AGT CTT AGA AGA CTT TCT TTG TCT CAT AAT CCT ATT GAA GCA ATA CAG CCC TTT	872
A F K G L A N L E Y L L L K N S R I R N	266
GCA TTT AAA GGA CTT GCC AAT CTG GAA TAC CTC CTC CTG AAA AAT TCA AGA ATT AGG AAT	932
V T R D G F S G I N N L K H L I L S H N	286
GTT ACT AGG GAT GGG TTT AGT GGA ATT AAT CTT AAA CAT TTG ATC TTA AGT CAT AAT	992

Fig. 2B

TTT TTT TTT

D L E N L N S D T F S L L K N L I Y L K	306
GAT TTA GAG AAT TTA AAT TCT GAC ACA TTC AGT TTG TTA AAG AAT TTA ATT TAC CTT AAG	1052
L D R N R I I S I D N D T F E N M G A S	326
TTA GAT AGA AAC AGA ATA ATT AGC ATT GAT AAT GAT ACA TTT GAA AAT ATG GGA GCA TCT	1112
L K I L N L S F N N L T A L H P R V L K	346
TTG AAG ATC CTT AAT CTG TCA TTT AAT AAT CTT ACA GCC TTG CAT CCA AGG GTC CTT AAG	1172
P L S S L I H L Q A N S N P W E C N C K	366
CCG TTG TCT TCA TTG ATT CAT CTT CAG GCA AAT TCT AAT CCT TGG GAA TGT AAC TGC AAA	1232
L L G L R D W L A S S A I T L N I Y C Q	386
CTT TTG GGC CTT CGA GAC TGG CTA GCA TCT TCA GCC ATT ACT CTA AAC ATC TAT TGT CAG	1292
N P P S M R G R A L R Y I N I T N C V T	406
AAT CCC CCA TCC ATG CGT GGC AGA GCA TTA CGT TAT ATT AAC ATT ACA AAT TGT GTT ACA	1352
S S I N V S R A W A V V K S P H I H K	426
TCT TCA ATA AAT GTA TCC AGA GCT TGG GCT GTT GTA AAA TCT CCT CAT ATT CAT CAC AAG	1412
T T A L M M A W H K V T T N G S P L E N	446
ACT ACT GCG CTA ATG ATG GCC TGG CAT AAA GTA ACC ACA AAT GGC AGT CCT CTG GAA AAT	1472

Fig. 2C

T	E	T	E	N	I	T	F	W	E	R	I	P	T	S	P	A	G	R	F	466
ACT	GAG	ACT	GAG	AAC	ATT	ACT	TTC	TGG	GAA	CGA	ATT	CCT	ACT	TCA	CCT	GCT	GGT	AGA	TTT	1532
F	Q	E	N	A	F	G	N	P	L	E	T	T	A	V	L	P	V	Q	I	486
TTT	CAA	GAG	AAT	GCC	TTT	GGT	AAT	CCA	TTA	GAG	ACT	ACA	GCA	GTG	TTA	CCT	GTG	CAA	ATA	1592
Q	L	T	T	S	V	T	L	N	L	E	K	N	S	A	L	P	N	D	A	506
CAA	CTT	ACT	ACT	TCT	GTT	ACC	TTG	AAC	TTG	GAA	AAA	AAC	AGT	GCT	CTA	CCG	AAT	GAT	GCT	1652
A	S	M	S	G	K	T	S	L	I	C	T	Q	E	V	E	K	L	N	E	526
GCT	TCA	ATG	TCA	GGG	AAA	ACA	TCT	CTA	ATT	TGT	ACA	CAA	GAA	GTT	GAG	AAG	TTG	AAT	GAG	1712
A	F	D	I	L	L	A	F	F	I	L	A	C	V	L	I	I	F	L	I	546
GCT	TTT	GAC	ATT	TTG	CTA	GCT	TTT	TTC	ATC	TTA	GCT	TGT	GTT	TTA	ATC	ATT	TTT	TTG	ATC	1772
Y	K	V	V	Q	F	K	Q	K	L	K	A	S	E	N	S	R	E	N	R	566
TAC	AAA	GTT	GTT	CAG	TTT	AAA	CAA	AAA	CTA	AAG	GCA	TCA	GAA	AAC	TCA	AGG	GAA	AAT	AGA	1832
L	E	Y	Y	S	F	Y	Q	S	A	R	Y	N	V	T	A	S	I	C	N	586
CTT	GAA	TAC	TAC	AGC	TTT	TAT	TAT	CAG	TCA	GCA	AGG	TAT	AAT	GTA	ACT	GCC	TCA	ATT	TGT	1892
T	S	P	N	S	L	E	S	P	G	L	E	Q	I	R	L	H	K	Q	I	606
ACT	TCC	CCA	AAT	TCT	CTA	GAA	AGT	CCT	GGC	TTG	GAG	CAG	ATT	CGA	CTT	CAT	AAA	CAA	ATT	1952

Fig. 2D

TTT TTT TTT

V	P	E	N	E	A	Q	V	I	L	F	E	H	S	A	L	*	623
GTT	CCT	GAA	AAT	GAG	GCA	CAG	GTC	ATT	CTT	TTT	GAA	CAT	TCT	GCT	TTA	TAA	2003
CTCAACTAAATATTGTC	TATAAGAACTTCAGT	GCACATGATT	TAAACTGAAACCTCCT	TATATATATAC													2082
TTTAGTTGGAAATATAATGAATTATATAGAGGTAGCATTATTA	AAATATGTTTTTAATAAAAAA	AAAAAAGG															2161
GCGGCCGC																2169	

Fig. 2E

TOGTD" T599460

13/67

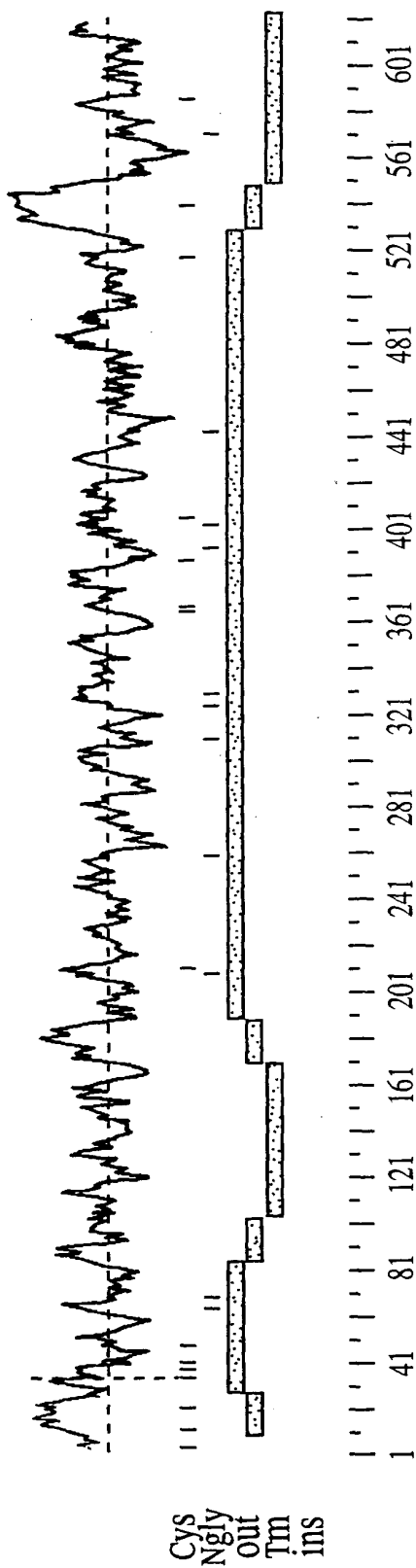


FIG. 2F

TOEFO" T599460

```

10  MRGVGWQMLSLSGLVLA-----ILNKVAPQACPAQCS-CSGSTVDCHGLALRSVPRNIPRNTERLDLNG
: : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 MCGLQFSLPCLRLFLVVTCYLLLLHK-EILGCSSVCQLCTGRQINCRNIGLSSIPKNFPESTVFLYLTG
10  20 30 40 50 60

70  NNITRITKTDFAGLRHLRVLQLMENKISTIERGAFQDLKELERLRLNRNHLQLFPPELLFLGTAKLYRLDL
: : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 NNISYINESELTGLHSLVALYLDNSNIIYVYPKAFVQLR-----HLY--FLFLNNNFIKRLD-
70  80 90 100 110 120 130

140 SENQIQAIPRKAFRGAVDIKNLQLDYNIQISCIEDGAFRALRDLEVLTLNNNNITRLSVASFNHMPKLRTF
: : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----PGI-----FKGLLNLRNLYLQYNQVSFVPRGVFNDLVSVQYLNLRNRLTVLGSQTF-----
130 140 150 160 170 180 190 200

210 RLHSNNLYCDCHLAWLSDWLRQRPRVGLYTQCMGPSHLRGHNVAEVQKREFVCSGHQSFMAPSCSVLHCP
: : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----VGM-----VA-----
180

```

Fig. 2G

T06T0"1599200

```

280      290      300      310      320      330      340
Slit AACTCSNNIVDCRGKGLTEIPTNLPEITIEIRLEQNTIKVIPPGAFSPYKKLRRIDLSNNQISELAPDAF
325 -----
      :: :::::
      LRILDSNNNI-----
      190

350      360      370      380      390      400      410
Slit QGLRSLNSLVLYGNKITELPKSLFEGFLSLQLLLLNANKINCLRVDAFQDLHNLNLLSLYDNKLQTIAGK
      :: ::
      ISE-----
      200

420      430      440      450      460      470      480
Slit TFSPLRAIQTMHLAQNPFICDCHLKWLDYHLHTNPIETSGARCTSPRRLANKRIGQIKSKKFRCSAKEQY
      :: ::
      YLGSN-----
      210

490      500      510      520      530      540      550
Slit FIPGTEDYRSKLSGDCFADLACPEKCRCEGTTVDSCSNQKLNKIPEHIPQYTAELRLNNNEFTVLEATGIF
      :::::
      NLTKVP-----
      220
      SNAFEVLKS-----

```

Fig. 2H

Fig. 21

Table 1.59.60

```

840      850      860      870      880      890      900
Slit  GNDISVVEGAFNDLSALSHLAIGANPLYCDCNMQLSDWVKSEYKEPGIARCAGPGEMADKLLLTTPSK
      ... :: ... :: ... :: ... :: ... ::
325  -----SSLIHLQANSNPWECNCKLLGLRDWLAS-----
      350      360      370

      910      920      930      940      950      960      970
Slit  KFTCQGPVDVNIILAKNPNCLSNPCKNDGTCNSDPVDFYRCTCPYGFKGQDCDVPIHACISNPCKHGGTCH
      ... :: ... :: ... :: ... :: ... ::
325  -----SAITLNI-----Y-----CQNP-----PSMRG-----
      380                                390

      980      990      1000      1010      1020      1030      1040
Slit  LKEGEDGFWCICADGFEGENCEVNVDDCEDNDCENNSTCVDGINNYTCLCPPEYTGELCEEKLDFAQD
      ... : ... : ... : ... : ... :
325  -----RALRYI-----NITNCV-----
      400

      1050      1060      1070      1080      1090      1100      1110
Slit  LNPCQHDSKCILTPKGFKCDCTPGYVGEHCDIDFDDCQDNKCKNGAHCTDAVNNGYTCICPEGYSGLFCEF
      ... : ... : ... : ... : ... :
325  -----TSSIN-----
      410

```

Fig. 2J

T06F0-T99.60

```

1120      1130      1140      1150      1160      1170      1180
Slit  SPPMVLPRTPCDNFDCQNGAQCIVRINEPICQLPGYQGEKCEKLVSVNFINKESYLQIPSAKVRPQTN
      .:. .      .:.      .:.      .:.      .:.      .:.
325  -----VRAWA-----VVK-----SPHIIHKTTALMMAWHKV-----
      420      430

1190      1200      1210      1220      1230      1240      1250
Slit  ITLQIATDEDSGILLYKGDKDHIAVELYRGRVRASYDTGSHPASAIYSVETINDGNFHIVELLALDQSL
      .:. .      .:. .      .:. .      .:. .      .:. .      .:. .
325  -----TTNGSP-----LENTETENIT-----FWERIPTS-----PAGRFFQENAFGNP-LETTAVLPVQIQLT
      440      450      460      470      480

1260      1270      1280      1290      1300      1310      1320
Slit  LSVDDGNPKIITNLSKQSTLNFDSPLYVGGMPGKSNVASLRQAPGQNGTSFHGCIRNLYINSELQDFQKV
      .:.      .:.      .:.      .:.      .:.      .:.
325  TSV-----TLNLEKNSALPNDA-----MSGKTSLI-----CT-----QVEVEKL
      490      500      510      520

1330      1340      1350      1360      1370      1380      1390
Slit  PMQTGILPGCEPCHKKVCAHGTCQPSSQAGFTCECQEGWMGPLCDQRTNDPCLGNKCVHGTCLPINAFSY
      .:. .      .:.
325  NEAFDILLA-----F-----FIL
      530

```

Fig. 2K

```

1400      1410      1420      1430      1440      1450      1460
Slit  SCKCLEGGVLCDEEDLFNPCAIAKCKHGKCRLSGLGPYCECSSGYTGDSCDREISCRGERIRDYYQ
      ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
325 AC-----VL-----IIFLIYKVVFQKQ---KLKA-----SENS-----RENRL-EYY-
      540      550      560      570

1470      1480      1490      1500      1510      1520
Slit  KQQGYAACQTTK-KVSRLECRGGCAGGCCGGLPSKRKRKYSFECTDSSFVDEVEKVKVKGCTRCSV
      ..      :... ::      :... ::      :... ::      :... ::
325 ---SF--YQSARYNVTAICNTSPNSLESPLGLEQIRLHK-----QIVPENEAQVI-LFEHSAL
      580      590      600      610      620

```

19/67

Slit	10	20	30	40	50	60	70
	CAGAGCAGGGTGGAGAGGGCGGTGGGAGGCGGTGTGCCTGAGTGGGCTCTACTGCCTTGTTCCATATTATT						
325	----	----	----	----	----	----	----
Slit	80	90	100	110	120	130	140
	TTGTGCACATTTTCCCTGGCACTCTGGTTGCTAGCCCCGCCGGGCACTGGGCTCAGACACTGCGCGGT						
325	----	----	----	----	----	----	----
Slit	150	160	170	180	190	200	210
	TCCCTCGGAGCAGCAAGCTAAAGAAAGCCCCCAGTGCCGGCGAGGAAGGAGGCGGGGAAAGATGCGC						
325	----	----	----	----	----	----	----
Slit	220	230	240	250	260	270	280
	GGCGTTGGCTGGCAGATGCTGTCCCTGTCGCTGGGTTAGTGTGGCGATCCTGAACAAGTGGCACCGC						
325	----	----	----	----	----	----	----

20/67

```

360      370      380      390      400      410      420
Slit  GCCCAGGAATATCCCCGCAACCCGAGAGACTGGATTAAATGGAATAACATCACAGAATTACGAAG
      :::::::::::
325  --CCGGAAATGTC-----
      20

```

```

500      510      520      530      540      550      560
Slit  GAGGAGCATTCCAGGATCTTAAAGAACTAGAGAGACTGCCGTTTAAACAGAAATCACCTTCAGCTGTTTCC
325  -----CTGAATC-----AGCT-GAGTG-----TTAAT---AATACG-----AATTTC
      60      70      80

```

Fig. 2M-2

Figure 2M-3

```

570      580      590      600      610      620      630
Slit TGAGTTGCTGTTCTTGGGACTGCGAAGCTATACAGGCTTGATCTCAGTGAACCAAAATTCAGGCAATC
:      ::::: : ::: ::::: : ::: ::::: : ::: ::::: : :::
325 T-----TTTCTTG---C--CAATTCTGATCTGA-----ACAGA-AAATCCAAGAACAGG-----
      90      100      110      120      130

640      650      660      670      680      690      700
Slit CCAAGGAAAGCTTCCCGTGGGGCAGTTGACATAAAAAATTTGCAACTGGATTACAACCAAGATCAGCTGTA
:      ::::: : ::: ::::: : ::: ::::: : :::
325 -----GATATGTG-----TGGATTACA-----GTT
      140      150

710      720      730      740      750      760      770
Slit TTGAAGATGGGGCATTCAGGGCTCTCCGGGACCTGGAAGTGCTCACTCTCAACAATAACAATTACTAG
:      ::::: : ::: ::::: : ::: ::::: : :::
325 TT-----CTCT-----GCCT-----TGC-----CTACGA-----
      160      170

780      790      800      810      820      830      840
Slit ACTTCTGTGGCAAGTTTCAACCATAATGCCCTAAACTTAGGACTTTTCGACTGCATTCAAACAACCTGTAT
:      ::::: : ::: ::::: : ::: ::::: : :::
325 -----CTGTTTCTGTTGTTACCTGTTA-----TCTTTT-----AT
      180      190      200

```

Fig. 2M-3

```

1060      1070      1080      1090      1100      1110      1120
Slit  ATCGTAGACTGTCGTGGAAAGGTCCTCACTGAGATCCCAACAATCTTCCAGAGACCATCACAGAAATAC
      :: :::::  .. ::  :::::  :: :::::  :: :::::  :: :::::  ::
325  -----CTTTCGAG-----TATTC---CTAAGA-----ATTTTCCTGAAA--GT-ACAGTTTTC
      290      300      310      320

```

Fig. 2M-4

Fig. 2M-5


```

1620      1630      1640      1650      1660      1670      1680
Slit ACAGATCAAAAGCAAGAAATTCGGTTGTTTCAGCTAAAGAACAGTATTTTCATTCAGGTACAGAAGATTAT
      :::::  :::::  ::  :::::  : :::::  :::::  ::
325 ACAGT--ATAATCAGGTA--TCTTTTGTTTC--CGAGAGG--AGTATTTTAAT-----
      560      570      580      590

```

Fig. 2M-6

```

1690      1700      1710      1720      1730      1740      1750
Slit  CGATCAAAATTAAGTGGAGACTGCTTTGCGGATCTGGCTTGCCCTGAAAAGTGTGCTGTGAAGGAACCA
      :::::::::::
      ::::~::~:
325  -GATCTAGTTT-----CAGTTTCAG-----
      600      610

1760      1770      1780      1790      1800      1810      1820
Slit  CAGTAGATTGCTCTAATCAAAAGCTCAACAAAAATCCCGGAGCACATTTCCCAGTACACTGCAGAGTTGCG
      :::: ~:::::
      :::: ~:::::
325  -----TACTTAAATCTA-----CAAA-----GGAA-----TCGCCT---CACTG-----
      620      630      640

1830      1840      1850      1860      1870      1880      1890
Slit  TCTCAATAATAATGAATTTACCGTGTGGAAGCCACAGGAATCTTTAAGAAACTTCCCTCAATTACGTAAA
      :: ~:::::
      ::: ~:::::
325  -----TCC---TTGGGAG---TGG-----TACCT-----
      650      660

1900      1910      1920      1930      1940      1950      1960
Slit  ATAACTTTAGCAACAATAAGATCACAGATATTGAGGAGGGAGCATTTGAAGGAGCATCTGGTGTAATG
      .:::~::~:
      ::::~::~:
325  -----TTGTTGGTATGGTTGCT-----CTTCGG-----
      670      680

```

Fig. 2M-7

	1970	1980	1990	2000	2010	2020	2030
Slit	AAATACTTCTTACGAGTAATCGTTGGAAAATGTCAGCATAAGATGTTCAAGGGATTGGAAAGCCTCAA						
325	--ATACTT----	GATTATC----					
	690						

```

2040      2050      2060      2070      2080      2090      2100
Slit  AACTTGATGTTGAGAAGCAATCGAATAACCTGTGTGGGGAATGACAGTTTCATAGGACTCAGTCTGTG
      :::          :::::      : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AAC-----AATAAC--ATTTGAGGATATCAGAATCAG-----
      700          710          720

```

```

2110      2120      2130      2140      2150      2160      2170
Slit  CGTTGCTTCTTTGATGATAATCAAATTACTACAGTGCACCGGGCATTGATACTCTCCATTCTT
      :::::
325  ---GCTTC-----730

```

```

      2180       2190       2200       2210       2220       2230       2240
Slit  TATCTACTAAACCTCTTGGCCAATCCTTTTAAC TGTAAC TGCTGCTTGCTTGGAGAGTGGCT
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
325 -----AACATCTTGA--AAACCTT-----GCTTGT TTGTAT-----T
      740           750           760

```

Fig. 2M-8

```

2250      2260      2270      2280      2290      2300      2310
Slit  GAGAAAGAGAGAAATTGTCACGGGAAATCCTAGATGTCAAAAACCATACTCCTGAAAGAAATACCCATC
      ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
325  TAGGAAGTAATAATTTA--ACAAAAGTACC-----ATCAAATGCCCTTT-----GAAGTAC-----
      770      780      790      800      810

2320      2330      2340      2350      2360      2370      2380
Slit  CAGGATGTGGCCATTTCAGGACTTCACCTTGTGATGACGGGAAATGATGACAAATAGTTGCTCCCCACTTTCTC
      ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
325  -----TTAAAAGTCTT-----AGAAGACTTT-----CTTTGTCTC
      820      830

2390      2400      2410      2420      2430      2440      2450
Slit  GCTGTCCTACTGAATGTACTTGTGGATACAGTCGTCCGATGTAGCAACAAGGTTTGAAGGTCTTGCC
      . ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
325  ATAATCCTATTGAA-----GCA---ATACAG-C--CCTTTG---CA-----TTTAAAGGACTTGCC
      850      860      870      880      890

2460      2470      2480      2490      2500      2510      2520
Slit  GAAAGGTATCCAAGAGATGTCACAGAGTTGTATCTGGATGGAAACCAATTACACTGGTTCCTCAAGGAA
      .: ::::::::::: ::::::::::: ::::::::::: :::::::::::
325  AA-----TCTGGA---ATACC-----TCC-----
      900

```

Fig. 2M-9

```

2530      2540      2550      2560      2570      2580      2590
Slit  CTCTCCAACATAAACAATTAAACACTTATAGACTTAAGTAACAACAGAAATAAGCAGCTTCTTAATCAGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ---TCCTGAAAAAATCAAGAA-----TTAGGA---ATGTTACTA-GGGATGGG-----TTTAGT--GG
      910      920      930      940      950

2600      2610      2620      2630      2640      2650      2660
Slit  GCTTCAGCAACATGACCCAGCTCCTCACCTTAATCTTAGTTACAACCGTCTGAGATGTATTCCTCCTCG
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  AATTAATAATCTTAA-----ACATTGATCTTAA-----GTCA-TAATGA-----
      960      970      980      990

2670      2680      2690      2700      2710      2720      2730
Slit  CACCTTTGATGGATTAAAGTCTCTTCGATTACTTCTCTACATGGAAATGACATTTCTGTGTCCTGAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ----TTTAGAGAAATTTAAAT----TCTGACACACATTCAGT--TTGTTAAAGA-ATT--TAATTTACCTTAA
      1000     1010     1020     1030     1040     1050

2740      2750      2760      2770      2780      2790      2800
Slit  GGTGCTTTCATGATCTTTCTGCATTATCACATCTAGCAATTGGAGCCCAACCCCTCTTTACTGTGATTGTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  G-----TTAGATAGAA---ACAGAAATAAT-----TAGCATT-----GATAATGAT
      1060      1070      1080

```

Fig. 2M-10

```

2810      2820      2830      2840      2850      2860      2870
Slit  ACATGCAGTGGTTATCCGACTGGGTGAAGTCGGAATATAAGAGCCTGGAATTGCTCGTTGTGCTGGTCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ACAT-----TTGAAAATATGGGAGCAT-----CTTTGAA--GATCC
      1090      1100      1110      1120

2880      2890      2900      2910      2920      2930      2940
Slit  TGGAGAAATGGCAGATAAACTTTTACTCACAACTCCCTCCAAAAAATTTACCTGTCAAGGTCCTGTGGAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  T-----TAATCTGTCA-----
      1130

2950      2960      2970      2980      2990      3000      3010
Slit  GTCAATATTCAGCTAAGTGTAAACCCCTGCCCTATCAAATCCCGTGTAATAATGATGGCACATGTAATAGTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  -TTAATAATCTTACA-----GCCTTGC--ATCCAAG-----G
      1140      1150      1160

3020      3030      3040      3050      3060      3070      3080
Slit  ATCCAGTTGACTTTTACCGATGCACCTGTCCATATGGTTTCAAGGGGCAGGACTGTGATGTCCCAATTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  GTCC-----TTAAGCCGT-----TGTC-----TTCATTG-----ATTCA
      1170      1180      1190

```

Fig. 2M-11

```

3090      3100      3110      3120      3130      3140      3150
Slit  TGCCTGCATCAGTAACCCATGTAAACATGGAGGAACCTTGCCACTTAAAGGAGGAGAGATGGATTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 T-----CTTCAGG-----CAAATT-----CTAATC-CTT-----GGGAATGTAACCTGCAAAC
      1200      1210      1220      1230

3160      3170      3180      3190      3200      3210      3220
Slit  TGGTGTAATTTGTGCTGATGGATTGGAAGGAGAGAAAATTGTGAAGTCAACGTTGATGATTGTGAAGATAATG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 T-----TTTGGGC-----CTTCGA-----G-----G-----G-----G-----G-----G
      1240

3230      3240      3250      3260      3270      3280      3290
Slit  ACTGTGAAAATAATTCTACATGTGTGCGATGGCATTAAATAACTACACATGCCCTTTGCCCCACCTGAGTATAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 ACTG-----GC-----TAGCAT-----CTTCA--GCCATTAC-----G-----G-----G-----G-----G
      1250      1260      1270

3300      3310      3320      3330      3340      3350      3360
Slit  AGGTGAGTTGTGAGGAGAGAGCTGGACTTCTGTGCCAGGACCTGAACCCCTGCCAGCAGCATTCAAAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----TCTAAACATCTATT-----GTCAGAAATCCCC-----G-----G-----G-----G-----G
      1280      1290

```

Fig. 2M-12

10640-159260

```

3370      3380      3390      3400      3410      3420      3430
Slit  TGCATCCTAACTCCAAGGATTCAAAATGTGACTGCACACCGGTACGTAGGTGAACACTGGACATCG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  --CATCCATGC-----GTGGCAGAGCA-----TTACGTT-----
1300      1310      1320

3440      3450      3460      3470      3480      3490      3500
Slit  ATTTGACGACTGCCAAGACAACAAGTGTA AAAACGGAGCCCACTGCACAGATGCAGTGAACGGCTATAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ATATTAAC-----ATTACAAATTGTGTTA-----CATCTTCA-----ATAA
1330      1340      1350      1360

3510      3520      3530      3540      3550      3560      3570
Slit  GTGCATATGCCCCGAAGGTTACAGTGGCTTGTTCTGTGAGTTTCTCCACCCATGGTCCCTCCGTACC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ATGTAT-----CCAGAG-----CTTGGGCT-GTT-----GTAAAATCTCCTC--ATATTCAATCACAAGA--C
1370      1380      1390      1400      1410

3580      3590      3600      3610      3620      3630      3640
Slit  AGCCCCCTGTGATAAATTTTGATTGTCAGAAATGGAGCTCAGTGTATCGTCAGAAATAAATGAGCCCAATATGTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  TAC---TGGCGCTAAT---GATGGCCTG-----GCATAAAGTAAC--CA-----CAA-ATGGC
1420      1430      1440      1450

```

Fig. 2M-13

	3650	3660	3670	3680	3690	3700	3710
Slit	AGTGTTCCTGGCTATCAGGGAGAAAAGTGTGAAAAATTGGTTAGTGTGAATTTTATAACAAAGAGTC						
	:::	:::	:::	:::	:::	:::	:::
325	AGT-----CCT--CT-----GGAATACTTGAGAC-----TGAGAACATTACTTCTTCTGGAA--						
	1460	1470	1480	1490	1500		

Slit 3720 3730 3740 3750 3760 3770 3780
TTATCTTCAGATTCCCTTCAGCCCAAGGTTCTGGCCCTCAGACGAAACATAACACTTCAGATTGCCACAGATGAA
325 -----CGAATTCCCTAC-----TTCACCTGCTGGTAGA-TTTTTCAGAGAAATGCCCTTGTGTA-
1510 1520 1530 1540 1550

```

3790      3800      3810      3820      3830      3840      3850
Slit  GACAGCGGAATCCTCCTGTATAAGGGTGACAAAGACCATAATCGCGGTAGAACTCTATCGGGGCGGTGTTT
325  -----TCCATTA-----GAGACTA-----CA-----GCAGTGTTAC-CTGT-----GCAAATAC
      1560      1570      1580      1590

```

```

3860      3870      3880      3890      3900      3910      3920
Slit GTGCCAGCTATGACACCGGCTCTCATCCAGCTTCTGCCATTACAGTGTGGAGACAATCAATGATGGA
325 AA-CTTACTA-----CTTCTGTACCTTGAACCT---TGGAAAAAACAAGTGCT-----
1600      1610      1620      1630

```

Fig. 2M-14

Fig. 2M-15

```

4210      4220      4230      4240      4250      4260      4270
Slit  TGTGAGCCATGCCACAAGAAGGTGTGTGCCCATGGCACATGCCAGCCAGCAGGCTTCACCT
325   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TTTGATC--TAC-----AAAGTTGTT-----CAGTTTA---A
      1770      1780      1790

```

```

4280      GCGAGTCCAGGAAGATGGATGGGGCCCCCTCTGTGACCAACGGACCAATGACCCCTTGCCTTGGAATAA
Slit
4290
4300
4310
4320
4330
4340
4350
4360
4370
4380
4390
4400
4410
4420
4430
4440
4450
4460
4470
4480
4490
4500
4510
4520
4530
4540
4550
4560
4570
4580
4590
4600
4610
4620
4630
4640
4650
4660
4670
4680
4690
4700
4710
4720
4730
4740
4750
4760
4770
4780
4790
4800
4810
4820
4830
4840
4850
4860
4870
4880
4890
4900
4910
4920
4930
4940
4950
4960
4970
4980
4990
5000
5010
5020
5030
5040
5050
5060
5070
5080
5090
5100
5110
5120
5130
5140
5150
5160
5170
5180
5190
5200
5210
5220
5230
5240
5250
5260
5270
5280
5290
5300
5310
5320
5330
5340
5350
5360
5370
5380
5390
5400
5410
5420
5430
5440
5450
5460
5470
5480
5490
5500
5510
5520
5530
5540
5550
5560
5570
5580
5590
5600
5610
5620
5630
5640
5650
5660
5670
5680
5690
5700
5710
5720
5730
5740
5750
5760
5770
5780
5790
5800
5810
5820
5830
5840
5850
5860
5870
5880
5890
5900
5910
5920
5930
5940
5950
5960
5970
5980
5990
6000
6010
6020
6030
6040
6050
6060
6070
6080
6090
6100
6110
6120
6130
6140
6150
6160
6170
6180
6190
6200
6210
6220
6230
6240
6250
6260
6270
6280
6290
6300
6310
6320
6330
6340
6350
6360
6370
6380
6390
6400
6410
6420
6430
6440
6450
6460
6470
6480
6490
6500
6510
6520
6530
6540
6550
6560
6570
6580
6590
6600
6610
6620
6630
6640
6650
6660
6670
6680
6690
6700
6710
6720
6730
6740
6750
6760
6770
6780
6790
6800
6810
6820
6830
6840
6850
6860
6870
6880
6890
6900
6910
6920
6930
6940
6950
6960
6970
6980
6990
7000
7010
7020
7030
7040
7050
7060
7070
7080
7090
7100
7110
7120
7130
7140
7150
7160
7170
7180
7190
7200
7210
7220
7230
7240
7250
7260
7270
7280
7290
7300
7310
7320
7330
7340
7350
7360
7370
7380
7390
7400
7410
7420
7430
7440
7450
7460
7470
7480
7490
7500
7510
7520
7530
7540
7550
7560
7570
7580
7590
7600
7610
7620
7630
7640
7650
7660
7670
7680
7690
7700
7710
7720
7730
7740
7750
7760
7770
7780
7790
7800
7810
7820
7830
7840
7850
7860
7870
7880
7890
7900
7910
7920
7930
7940
7950
7960
7970
7980
7990
8000
8010
8020
8030
8040
8050
8060
8070
8080
8090
8100
8110
8120
8130
8140
8150
8160
8170
8180
8190
8200
8210
8220
8230
8240
8250
8260
8270
8280
8290
8300
8310
8320
8330
8340
8350
8360
8370
8380
8390
8400
8410
8420
8430
8440
8450
8460
8470
8480
8490
8500
8510
8520
8530
8540
8550
8560
8570
8580
8590
8600
8610
8620
8630
8640
8650
8660
8670
8680
8690
8700
8710
8720
8730
8740
8750
8760
8770
8780
8790
8800
8810
8820
8830
8840
8850
8860
8870
8880
8890
8900
8910
8920
8930
8940
8950
8960
8970
8980
8990
9000
9010
9020
9030
9040
9050
9060
9070
9080
9090
9100
9110
9120
9130
9140
9150
9160
9170
9180
9190
9200
9210
9220
9230
9240
9250
9260
9270
9280
9290
9300
9310
9320
9330
9340
9350
9360
9370
9380
9390
9400
9410
9420
9430
9440
9450
9460
9470
9480
9490
9500
9510
9520
9530
9540
9550
9560
9570
9580
9590
9600
9610
9620
9630
9640
9650
9660
9670
9680
9690
9700
9710
9720
9730
9740
9750
9760
9770
9780
9790
9800
9810
9820
9830
9840
9850
9860
9870
9880
9890
9900
9910
9920
9930
9940
9950
9960
9970
9980
9990
10000
10010
10020
10030
10040
10050
10060
10070
10080
10090
10100
10110
10120
10130
10140
10150
10160
10170
10180
10190
10200
10210
10220
10230
10240
10250
10260
10270
10280
10290
10300
10310
10320
10330
10340
10350
10360
10370
10380
10390
10400
10410
10420
10430
10440
10450
10460
10470
10480
10490
10500
10510
10520
10530
10540
10550
10560
10570
10580
10590
10600
10610
10620
10630
10640
10650
10660
10670
10680
10690
10700
10710
10720
10730
10740
10750
10760
10770
10780
10790
10800
10810
10820
10830
10840
10850
10860
10870
10880
10890
10900
10910
10920
10930
10940
10950
10960
10970
10980
10990
11000
11010
11020
11030
11040
11050
11060
11070
11080
11090
11100
11110
11120
11130
11140
11150
11160
11170
11180
11190
11200
11210
11220
11230
11240
11250
11260
11270
11280
11290
11300
11310
11320
11330
11340
11350
11360
11370
11380
11390
11400
11410
11420
11430
11440
11450
11460
11470
11480
11490
11500
11510
11520
11530
11540
11550
11560
11570
11580
11590
11600
11610
11620
11630
11640
11650
11660
11670
11680
11690
11700
11710
11720
11730
11740
11750
11760
11770
11780
11790
11800
11810
11820
11830
11840
11850
11860
11870
11880
11890
11900
11910
11920
11930
11940
11950
11960
11970
11980
```

```

Slit  ATGCGTACATGGCACCTGCTTGCCCATCAATGCGTTCTCCTACAGCTGTAAGTGCTTGGAGGGCCATGGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AGACTTGAATA-CTACAGCTT-----TTATCAGTCAGCAAGGTATA-----ATGTA
      1830      1840      1850      1860      1870

```

```

4420      4430      4440      4450      4460      4470      4480
Slit  GGTGTCCTCTGTGATGAAGAGGAGGATCTGTTTAACCCATGCCAGCGCATCAAGTGCAAGCACGGGAAGT
325    . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      ACTG-CCTCAAT-TTG-----TAACACTTCCC-----CAAATTCT--CT-AGAAAGT
      1880      1890      1900      1910

```

Fig. 2M-16

```

4700      4710      4720      4730      4740      4750      4760
Slit  GGAGCAAGCGCGGAAATACTCTTTCGAATGCACTGACGGCTCCTTCTTGTGGACGAGTTGAGAAAGT
325  ---AACTAA-----ATATTGTCTATAAGAACT---TCAGTGCCA-----TGGACATGATTATAA-----
2010      2020      2030      2040      2050

```

Fig. 2M-17

Figure 2M-18

```

4770      4780      4790      4800      4810      4820      4830
Slit GGTGAAGTGGGCTGTACGAGGTGTGTCTCCTAAACACACTCCCGGCGCTCTGTCTTTGGAAAAGGTTG
      ::::      ::::      ::::      ::::      ::::      ::::
325  -----CTG-----AAAC---CTC-----CTT---ATATAATTA
      2060      2070

4840      4850      4860      4870      4880      4890      4900
Slit TATACTTCTTGACCATGTGGGACTAATGAATGCTTCATAGTGGAAATATTTGAAATATATTGTAAAAATAC
      ::::      ::::      ::::      ::::      ::::      ::::
325  TATACTT-TAGT---TGGAATATGAATGAATTATATGAGGTTAGCATTTATAAAATATGTTTTTAA----
      2080      2090      2100      2110      2120      2130

4910      4920      4930      4940      4950
Slit AGAACAGACTTATTTTATTATGAGAAATAAAGACTTTTCTTCTGCATTG
      ::::      ::::      ::::      ::::
325  -----TAAAAAATAAATAAATAAAGGCG-----GCCGC-----
      2140      2150      2160

```

Fig. 2M-18

D	E	G	E	Y	E	C	R	V	S	T	F	P	A	G	S	F	Q	A	R	140
GAT	GAG	GGC	GAG	TAC	GAG	TGC	CGG	GTC	AGC	ACC	TTC	CCC	GCC	GGC	AGC	TTC	CAG	GCG	CGG	654
L	R	L	R	V	L	V	P	P	L	P	S	L	N	P	G	P	A	L	E	160
CTG	CGG	CTC	CGA	GTG	CTG	GTG	CCT	CCC	CTG	CCC	TCA	CTG	AAT	CCT	GGT	CCA	GCA	CTA	GAA	714
E	G	Q	G	L	T	L	A	A	S	C	T	A	E	G	S	P	A	P	S	180
GAG	GGC	CAG	GGC	CTG	ACC	CTG	GCA	GCC	TCC	TGC	ACA	GCT	GAG	GGC	AGC	CCA	GCC	CCC	AGC	774
V	T	W	D	T	E	V	K	G	T	T	S	S	R	S	F	K	H	S	R	200
GTG	ACC	TGG	GAC	ACG	GAG	GTC	AAA	GGC	ACA	ACG	TCC	AGC	CGT	TCC	TTC	AAG	CAC	TCC	CGC	834
S	A	A	V	T	S	E	F	H	L	V	P	S	R	S	M	N	G	Q	P	220
TCT	GCT	GCC	GTC	ACC	TCA	GAG	TTC	CAC	TTG	GTG	CCT	AGC	CGC	AGC	ATG	AAT	GGG	CAG	CCA	894
L	T	C	V	V	S	H	P	G	L	L	Q	D	Q	R	I	T	H	I	L	240
CTG	ACT	TGT	GTG	GTG	TCC	CAT	CCT	GGC	CTG	CTC	CAG	GAC	CAA	AGG	ATC	ACC	CAC	ATC	CTC	954
H	V	S	F	L	A	E	A	S	V	R	G	L	E	D	Q	N	L	W	H	260
CAC	GTG	TCC	TTC	CTT	GCT	GAG	GCC	TCT	GTG	AGG	GGC	CTT	GAA	GAC	CAA	AAT	CTG	TGG	CAC	1014
I	G	R	E	G	A	M	L	K	C	L	S	E	G	Q	P	P	P	S	Y	280
ATT	GGC	AGA	GAA	GGA	GCT	ATG	CTC	AAG	TGC	CTG	AGT	GAA	GGG	CAG	CCC	CCT	CCC	TCA	TAC	1074

Fig. 3B

N	W	T	R	L	D	G	P	L	P	S	G	V	R	V	D	G	D	T	L	300
AAC	TGG	ACA	CGG	CTG	GAT	GGG	CCT	CTG	CCC	AGT	GGG	GTA	CGA	GTG	GAT	GGG	GAC	ACT	TTG	1134
G	F	P	P	L	T	T	E	H	S	G	I	Y	V	C	H	V	S	N	E	320
GGC	TTT	CCC	CCA	CTG	ACC	ACT	GAG	CAC	AGC	GGC	ATC	TAC	GTC	TGC	CAT	GTC	AGC	AAT	GAG	1194
F	S	S	R	D	S	Q	V	T	V	D	V	L	D	P	Q	E	D	S	G	340
TTC	TCC	TCA	AGG	GAT	TCT	CAG	GTC	ACT	GTG	GAT	GTT	CTT	GAC	CCC	CAG	GAA	GAC	TCT	GGG	1254
K	Q	V	D	L	V	S	A	S	V	V	V	V	G	V	I	A	A	L	L	360
AAG	CAG	GTG	GAC	CTA	GTG	TCA	GCC	TCC	GTG	GTG	GTG	GTG	GGT	GTG	ATC	GCC	GCA	CTC	TTG	1314
F	C	L	L	V	V	V	V	V	L	M	S	R	Y	H	R	R	K	A	Q	380
TTC	TGC	CTT	CTG	GTG	GTG	GTG	GTG	CTC	ATG	TCC	CGA	TAC	CAT	CGG	CGC	AAG	GCC	CAG	1374	
Q	M	T	Q	K	Y	E	E	E	L	T	L	T	R	E	N	S	I	R	R	400
CAG	ATG	ACC	CAG	AAA	TAT	GAG	GAG	GAG	CTG	ACC	CTG	ACC	AGG	GAG	AAC	TCC	ATC	CGG	AGG	1434
L	H	S	H	H	T	D	P	R	S	Q	P	E	E	S	V	G	L	R	A	420
CTG	CAT	TCC	CAT	CAC	ACG	GAC	CCC	AGG	AGC	CAG	CCG	GAG	GAG	AGT	GTA	GGG	CTG	AGA	GCC	1494
E	G	H	P	D	S	L	K	D	N	S	S	C	S	V	M	S	E	E	P	440
GAG	GGC	CAC	CCT	GAT	AGT	CTC	AAG	GAC	AAC	AGT	AGC	TGC	TCT	GTG	ATG	GAA	GAG	CCC	1554	

Fig. 3C

[illegible]

Fig. 3D

TCAAGCAATCCTCGCCTCAGCCTCCCTAGTAGCTGGGACTTTAAGTGACACCACCTGTGCCCTTGCTTGAATCCTTA 2715
 CGAAGAGAAAAAATAAAGAAAGCCTTTAGATTATCAATGTTTACTACTGGGATTGCTTAAAGTGAGGCCCT 2794
 CCAACACAGGGGTTAAATTCCTGTGATTGTGAAAGGGCTACTTCCAAGGCATCTTCATGCAGGCAGCCCTTGGGAG 2873
 GGCACTGAGAGCTGGTAGAGTCTGAAATTAGGGATGTGAGCCTCGTGGTTACTGAGTAAGGTAAAAATTGCATCCACCA 2952
 TTGTTTGTGATACCTTAGGGAATTGCTTGGACCTGGTGACAAGGGCTCCTGTTCATAGTGGTGTGGGGAGAGAGAGA 3031
 GCAGTGATTATAGACCGAGAGAGTAGGAGTTGAGGTGAGGTGAAGGAGGTGCTGGGGTGAGAAATGTCGCCCTTCCCCC 3110
 TGGGTTTGGATCACTAAATCAAGGCTCTTCTGGATGTTTCTCTGGGTGGGCTGGAGTTCAATGAGGTTTATTTTA 3189
 GCTGGCCCAACCAGATACACTCAGCCAGAAATACCTAGATTTAGTACCCAAACTCTTCTTAGTCTGAAATCTGCTGGATT 3268
 TCTGGCCTAAGGGAGAGGCTCCCATCCTTCGTTCCCCAGCCAGCCTAGGACTTCGAAATGTGGAGCCTGAAGATCTAAGA 3347
 TCCTAACATGTACATTTTATGTAAATATGTGCATATTTGTACATAAAATGATATTCTGTTTAAATAAACAGACAAA 3426
 CTTGAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 3505
 AAAAA 3510

Fig. 3E

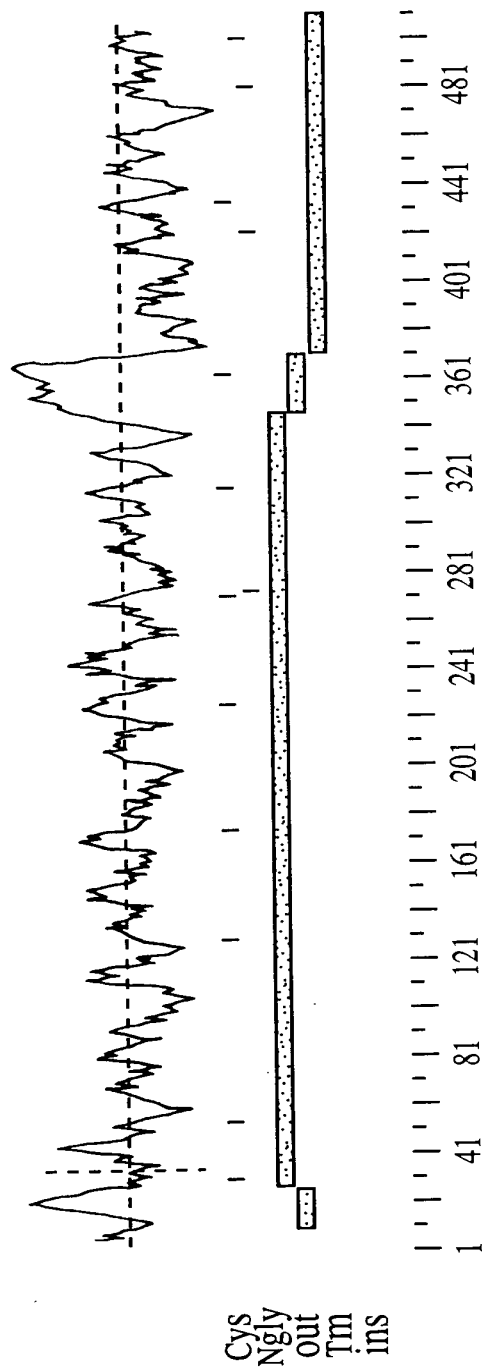


FIG. 3F

K	G	T	T	S	S	R	S	F	K	H	S	R	S	A	A	V	T	S	19	
C	AAA	GGC	ACA	ACG	TCC	AGC	CGT	TCC	TTC	AAG	CAC	TCC	CGC	TCT	GCT	GCC	GTC	ACC	TCA	58
E	F	H	L	V	P	S	R	S	M	N	G	Q	P	L	T	C	V	V	S	39
GAG	TTC	CAC	TTG	GTG	CCT	AGC	CGC	AGC	ATG	AAT	GGG	CAG	CCA	CTG	ACT	TGT	GTG	GTG	TCC	118
H	P	G	L	L	Q	D	Q	R	I	T	H	I	L	H	V	S	F	L	A	59
CAT	CCT	GGC	CTG	CTC	CAG	GAC	CAA	AGG	ATC	ACC	CAC	ATC	CTC	CAC	GTG	TCC	TTC	CTT	GCT	178
E	A	S	V	R	G	L	E	D	Q	N	L	W	H	I	G	R	E	G	A	79
GAG	GCC	TCT	GTG	AGG	GGC	CTT	GAA	GAC	CAA	AAT	CTG	TGG	CAC	ATT	GGC	AGA	GAA	GGA	GCT	238
M	L	K	C	L	S	E	G	Q	P	P	P	S	Y	N	W	T	R	L	D	99
ATG	CTC	AAG	TGC	CTG	AGT	GAA	GGG	CAG	CCC	CCT	CCC	TCA	TAC	AAC	TGG	ACA	CGG	CTG	GAT	298
G	P	L	P	S	G	V	R	V	D	G	D	T	L	G	F	P	P	L	T	119
GGG	CCT	CTG	CCC	AGT	GGG	GTA	CGA	GTG	GAT	GGG	GAC	ACT	TTG	GGC	TTT	CCC	CCA	CTG	ACC	358
T	E	H	S	G	I	Y	V	C	H	V	S	N	E	F	S	S	R	D	S	139
ACT	GAG	CAC	AGC	GGC	ATC	TAC	GTC	TGC	CAT	GTC	AGC	AAT	GAG	TTC	TCC	TCA	AGG	GAT	TCT	418
Q	V	T	V	D	V	L	A	D	P	Q	E	D	S	G	K	Q	V	D	L	159
CAG	GTC	ACT	GTG	GAT	GTT	CTT	GCA	GAC	CCC	CAG	GAA	GAC	TCT	GGG	AAG	CAG	GTG	GAC	CTA	478

Fig. 3G

V S A S V V V V V G V I A A L L F C L L V 179
 GTG TCA GCC TCG GTG GTG GTG GGT GTG ATC GCC GCA CTC TTG TTC TGC CTT CTG GTG 538

V V V V L M S R Y H R R K A Q Q M T Q K 199
 GTG GTG GTG GTG CTC ATG TCC CGA TAC CAT CGG CGC AAG GCC CAG CAG ATG ACC CAG AAA 598

Y E E E L T L T R E N S I R R L H S H H 219
 TAT GAG GAG GAG CTG ACC CTG ACC AGG GAG AAC TCC ATC CGG AGG CTG CAT TCC CAT CAC 658

T D P R S Q S E E P E G R S Y S T L T T 239
 ACG GAC CCC AGG AGC CAG AGT GAA GAG CCC GAG GGC CGC AGT TAC TCC ACG CTG ACC ACG 718

V R E I E T Q T E L L S P G S G R A E E 259
 GTG AGG GAG ATA GAA ACA CAG ACT GAA CTG CTG TCT CCA GGC TCT GGG CGG GCC GAG GAG 778

E E D Q D E G I K Q A M N H F V Q E N G 279
 GAG GAA GAT CAG GAT GAA GGC ATC AAA CAG GCC ATG AAC CAT TTT GTT CAG GAG AAT GGG 838

T L R A K P T G N G I Y I N G R G H L V 299
 ACC CTA CGG GCC AAG CCC ACG GGC AAT GGC ATC TAC ATC AAT GGG CGG GGA CAC CTG GTC 898

* 300
 TGA 901

Fig. 3H

Fig. 3I

T06T0" T59960

```

100      110      120      130      140      150      160
ALT  NWTRLDGPLPSGVRVDGDTLGFPPLTTEHSGIYVCHVSNEFSSRDSQVTVDVLADPQEDSGKQVDLVSAS
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
T364  NWTRLDGPLPSGVRVDGDTLGFPPLTTEHSGIYVCHVSNEFSSRDSQVTVDVL~DPQEDSGKQVDLVSAS
      290      300      310      320      330      340

170      180      190      200      210      220
ALT  VVVVGVIALLFCLLVVVVLMRSYHRRKAQQMTQKYEEELTLTRENSIRRLHSHHTDPRSQ-----
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
T364  VVVVGVIALLFCLLVVVVLMRSYHRRKAQQMTQKYEEELTLTRENSIRRLHSHHTDPRSQPPEESVGLR
      350      360      370      380      390      400      410

ALT  -----SEEPEGRSYSTLTTVREIETQTELLSPGSGRAEEEEEDQDEGIKQAMNHFVQEN
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
T364  AEGHPDSLKDNSSCSVMSEEPEGRSYSTLTTVREIETQTELLSPGSGRAEEEEEDQDEGIKQAMNHFVQEN
      420      430      440      450      460      470      480

280      290
ALT  GTLRAKPTNGIYINGRHLV
      ::::::::::::::::::::::::::::::
T364  GTLRAKPTNGIYINGRHLV
      490      500      510

```

Fig. 3K

CTTAATGTTGGAAGTCTCTTAGTCCCTATGAGAGTGTGTAGCAGTTTGTCCCTGAG	55
CTCTAGCTTCTTTAAATGAAGCTGAGTCTCTGGGCAACATCTTTAGGGAGAGAGGTACAAAAGTTTCTTGGACCTTCTC	134
M M Q E Q Q P Q S T E K R G W	
AACACAGGGAGCCTGCATA ATG ATG CAA GAG CAG CAA CCT CAA AGT ACA GAG AAA AGA GGC TGG	15
198	
L S L R L W S V A G I S I A L L S A C F	35
TTG TCC CTG AGA CTC TGG TCT GTG GCT GGT ATT TCC ATT GCA CTC CTC AGT GCT TGC TTC	258
I V S C V V T Y H F T Y G E T G K R L S	55
ATT GTG AGC TGT GTA ACT TAC CAT TTT ACA TAT GGT GAA ACT GGC AAA AGG CTG TCT	318
E L H S Y H S S L T C F S E G T K V P A	75
GAA CTA CAC TCA TAT CAT TCA AGT CTC ACC TGC TTC AGT GAA GGG ACA AAG GTG CCA GCC	378
W G C C P A S W K S F G S S C Y F I S S	95
TGG GGA TGT TGC CCA GCT TCT TGG AAG TCA TTT GGT TCC AGT TGC TAC TTC ATT TCC AGT	438
E E K V W S K S E Q N C V E M G A H L V	115
GAA GAG AAG GTT TGG TCT AAG AGT GAG CAG AAC TGT GTT GAG ATG GGA GCA CAT TTG GTT	498
V F N T E A E Q N F I V Q Q L N E S F S	135
GTG TTC AAC ACA GAA GCA GAG CAG AAT TTC ATT GTC CAG CAG CTG AAT GAG TCA TTT TCT	558

Fig. 4A

Fig. 4B

GCATATTAACTTATTGGTGGGCATGACTATATGCAACAGTTGCATGATATATGATACAAATTATGTTATCTTTTCCA 1810
TTGCACTGAAAAATACCATAAATATAAAGAAGAAATCCCATCATCCAAATTGAGCCCTATATTGATTGATACCTCAGAAGAATC 1889
TGGCAGTAGGAGCCATATAAAGGGATAAGCAATTGGGAAAGGATTGGGAAGTTGGTAGTACTGAACATCTTCTCACCTGG 1968
ACTCATGAGCAACTTGAATAGTTGTAACTGTGATGTCATATGTAGATTCTAAACACATTTTTCCTCCCTTGAATAGAAAAATTT 2047
GGCACAACAATTTTAAATTAATTAGCAAAATATTGGATATTAAAGCTTCTTATAGAAAGAGATACCTGTATATTTA 2126
AGCCATGATGAGGTATATACAAATGTTATAAATTACTTGTACATGGCAAAATTAAATTTTATTATCATTTGTGGAGTCACT 2205
TTCTTTAAATTTAGTAATGCCCTTTGGCTTTTAAATTTTCTCCTGATATTAAATAGATACAGTAACCTTTCATTATGTTAG 2284
TGCTGTAAAAATTTTTTTTCCATCTTCTATTTTTGACCAATTTTATCCACATGTGCTCTTAATAAGTAGCATATAGTT 2363
AAATTTTAAAAAATCCAATATGGCAATCACCTTTTAGGTTAAAAATTTAATCCATTTACATTTGTGACAAATTCGACATA 2442
TATATGGTTCATAATCTATCATCTTACTAGGTGGTTTCCATTTCTCTGCTCCAAAAATATTTTTTTTACAGCTTATAAC 2521
ACAACTTTTATTAGAAAAAGTTATACATAACACAGCATCAACTATTTTCAAGAACCCCAATAAGCAACAAAAACCAGACTA 2600
ACAAAATGTGTAAACAAGAAACTAATGACCTTTCTAAAAATCAAAACATTCAATTTATCTACAATGTCTATTTACAAAACAGGG 2679
AAAACTCCATGGTTTACAGGCATGTCTATATTGAAAAATAAAGCTGCAATAGCTTTTATACAAATTATCGCTCTCAAGAAA 2758
ATGAATCATTAAGACAGTAAATTAGGAGTTCACAAATTTAAAAACATTTCACGTAATTTTAAATATTGTCTTCAATAAAT 2837
TTAAATTAATTGAAGTCTGAGTTTCAAAAAGTGATTTTCCCACAAAGGTGCCAACACACTTAAGCTAGAGCTTTCAGTGT 2916
AACTTTGCCCCTAAAGTTAAGACATATTCTGAGAATCATATAGTCACATGATTTCTGTGATGCTATCTGCTCTGTTAATA 2995
ACAAAGATTTCACACATGAATACCTATGTAAACAAATCTCCATGTTCTACACATATATACCCAGAACTTAAAGTATAATAA 3074
TAATAAAACATAGCAAAGCCTTTTAAAAAATAAAAAAATAAAAAA 3114

Fig. 4C

TOBTED TFS99260

52/67

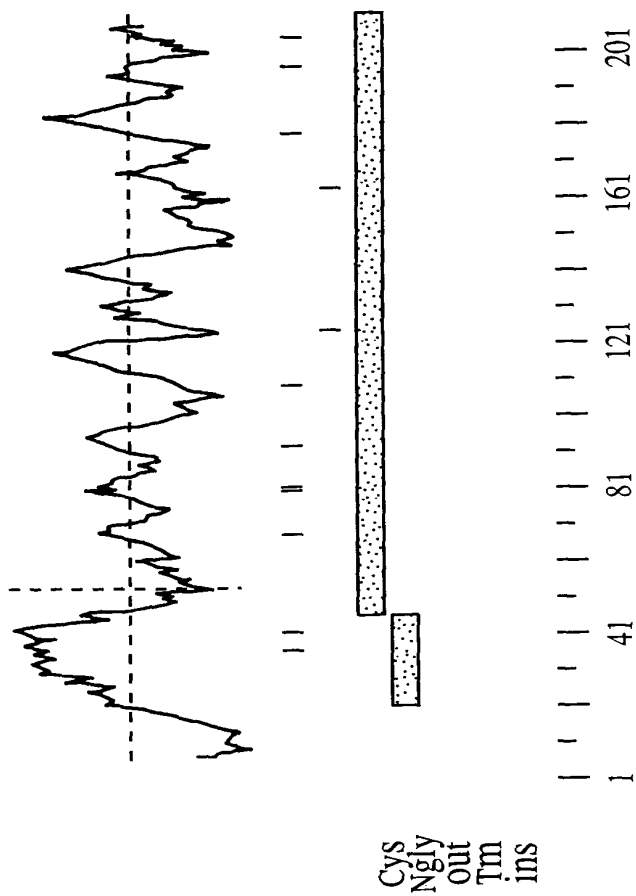


FIG. 4D

GAAC	TCCC	GGTG	TCGAC	CCCC	CGGTC	CCCGAT	TGGCC	CGCT	CTGT	GGCAT	TAACT	CAAGT	GTGT	GGAAGT	GATTCT	79				
GAACT	CTGG	CCTCT	TTGAC	AGAAG	CCAGG	TCCCT	GAGTC	GTAT	TTTGG	GACAG	ATGCA	AGAA	CCCC	CTGAC	CTTCTGA	158				
M V Q E R Q S Q G K G V C W T L 16																				
ACATA	CACCT	CAACA	ATG	GTG	CAG	GAA	AGA	CAA	TCC	CAA	GGG	AAG	GGA	GTC	TGC	ACC	CTG	221		
R L W S A A V I S M L L L S T C F I A S	36																			
AGA	CTC	TGG	TCA	GCT	GCT	GTG	ATT	TCC	ATG	TTA	CTC	TTG	AGT	ACC	TGT	TTC	ATT	GCG	AGC	281
C V V T Y Q F I M D Q P S R R L Y E L H	56																			
TGT	GTG	GTG	ACT	TAC	CAA	TTT	ATT	ATG	GAC	CAG	CCC	AGT	AGA	AGA	CTA	TAT	GAA	CTT	CAC	341
T Y H S S L T C F S E G T M V S E K M W	76																			
ACA	TAC	CAT	TCC	AGT	CTC	ACC	TGC	TTC	AGT	GAA	GGG	ACT	ATG	GTG	TCA	GAA	AAA	ATG	TGG	401
G C C P N H W K S F G S S C Y L I S T K	96																			
GGA	TGC	TGC	CCA	AAT	CAC	TGG	AAG	TCA	TTT	GGC	TCC	AGC	TGC	TAC	CTC	ATT	TCT	ACC	AAG	461
E N F W S T S E Q N C V Q M G A H L V V	116																			
GAG	AAC	TTC	TGG	AGC	ACC	AGT	GAG	CAG	AAC	TGT	GTT	CAG	ATG	GGG	GCT	CAT	CTG	GTG	GTG	521
I N T E A E Q N F I T Q Q L N E S L S Y	136																			
ATC	AAT	ACT	GAA	GCG	GAG	CAG	AAT	TTC	ATC	ACC	CAG	CAG	CTG	AAT	GAG	TCA	CTT	TCT	TAC	581

Fig. 4E

F	L	G	L	S	D	P	K	V	M	A	N	G	N	G	S	M	I	L	L	156
TTC	CTG	GGT	CTT	TCG	GAT	CCC	AAG	GTA	ATG	GCA	AAT	GGC	AAT	GGA	TCG	ATG	ATA	CTC	CTT	641
S	V	K	M	S	G	S	G	T	P	M	N	P	I	F	Q	K	S	G	V	176
TCA	GTC	AAA	ATG	TCA	GGT	TCT	GGC	ACC	CCC	ATG	AAC	CCA	ATC	TTC	CAG	AAG	AGC	GGT	GTG	701
F	Q	*																		179
TTT	CAA	TAG																		710
TTT	ACT	GGA	ATC	CTT	CGA	AAT	GGG	GCT	GGG	AAT	GAT	GTG	TCT	CTG	TAG	TAA	CAC	AAT	TCA	789
AGATT	ACCT	ATG	GAAT	GCCT	GTT	ATT	CTT	AATA												821

Fig. 4F

T06T07T599200

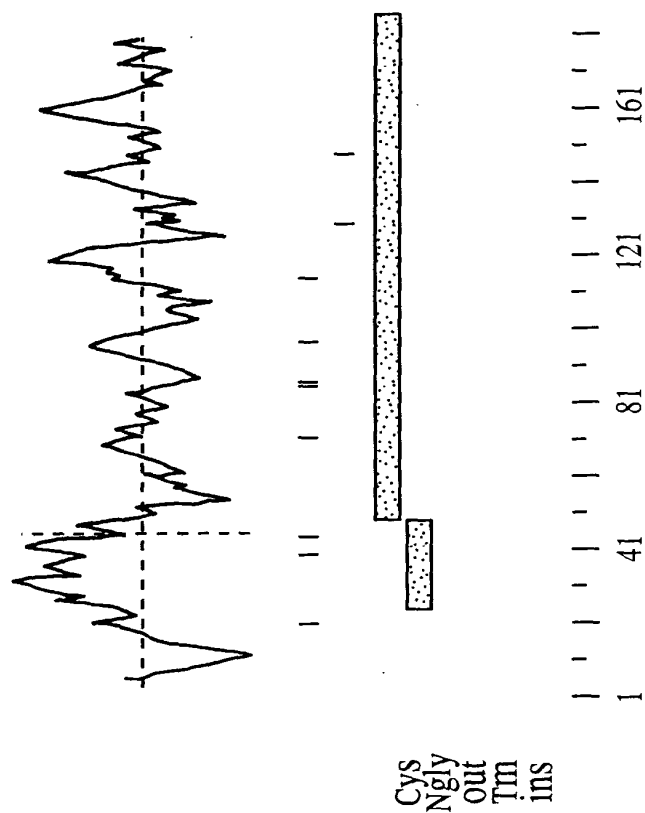


FIG. 46

murine Q

Fig. 4H

TTGGTGTG

human	ATGATGCAAGAGCAGCAACCTCAAAGTACAGAGAAAAGAGGCTGGTTGTCCCTGAGACTCTGGTCTGTGG	10	20	30	40	50	60	70
murine	ATGGTGCAGGAAAGACAATCCCA-----AGGGAAGGAGTCTGCTGGACCCCTGAGACTCTGGTCAAGCTG	10	20	30	40	50	60	
human	CTGGGATTCCATTGCACCTCCTCAGTCTTGCCTTCATTGTGAGCTGTGTAGTAACTTACCAATTTACATA	80	90	100	110	120	130	140
murine	CTGTGATTCCATGTTACTCTTGAGTACCTGTTTCATTGCGAGCTGTGTGGTGAAGTACCAATTTATTAT	70	80	90	100	110	120	130
human	TGGTGAAACTGGCAAAAGGCTGTCTGAACCTACACTCATATCATTCAAAGTCTCACCTGCTTCAGTGAAGGG	150	160	170	180	190	200	210
murine	GGACCAGCCCAGTAGAAGACTATATGAACTTCACACATACCATTCACAGTCTCACCTGCTTCAGTGAAGGG	140	150	160	170	180	190	200
human	ACAAAGGTGCCAGCC-----TGGGGATGTTGCCCAGCTTCTTGGAAAGTCAATTTGGTTCAGTTGCTACT	220	230	240	250	260	270	
murine	ACTATGGTGTCAAGAAAAAATGTGGGGATGCTGCCCAAATCACTGGAAGTCAATTTGGCTCCAGCTGCTACC	210	220	230	240	250	260	270

Fig. 4I

T06TTD"TF599460

```

280      290      300      310      320      330      340
human  TCATTTCCAGTGAAGAGAAAGGTTTGGTCTAAGAGTGAGCAGAACTGTGTTGAGATGGGAGCACATTGGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine  TCATTTCTACCAAGGAGAACTTCTGGAGCACCAGTGAGCAGAACTGTGTTTCAGATGGGGCTCATCTGGT
280      290      300      310      320      330      340

350      360      370      380      390      400      410
human  TGTGTTCAACACAGAGCAGAGCAGAATTTCATTGTCCAGCAGCTGAATGAGTCATTTCTTATTTCTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine  GGTGATCAATACTGAAGCGGAGCAGAATTTCATCACCAGCAGCTGAATGAGTCACTTTCTTACTTCCTG
350      360      370      380      390      400      410

420      430      440      450      460      470      480
human  GGGCTTTCAGACCCACAAAGGTAATAATAATTGGCAATGGATTGATAAGACACCTTATGAGAAAAATGTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine  GGTCTTTCGGATCC-CAAGGTAATGGCAAATGGCAATGGATCGATGATACCTCCTTTCAGTCAAAATGTCA
420      430      440      450      460      470      480

490      500      510      520      530      540      550
human  GATTTTGGCACCTAGGTAGGCCCAATCATTTCTGCAGAGCAATGTGCTTCAATAGTCTTCTGGAAACCTAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine  GGTCTTGGCACCCCATGAACCCCAATCTTCAGAAGAGCGGTGTGTTCAA-----
490      500      510      520      530

```

Fig. 4J

TGGTTGTTGG

560 570 580 590 600 610 620
human AGGATGGGGCTGGAATGATGTTATCTGTGAACTAGAAGGAATTCAATATGTGAGATGAATAAGATTTAC

murine -----

human CTA

murine ---

Fig. 4K

FIG. 4L

mT405	MVQERQSQGKGV	10	20	30	40	50	60	70
	CTLRWAAVISMLL							
	STCFIASCVVTYQ							
	FIMDQPSRRLYE							
	LHTYHSSLTCFSE							
	GMTM							
Dectin	MVQERQSQGKGV	10	20	30	40	50	60	70
	CTLRWAAVISMLL							
	STCFIASCVVTYQ							
	FIMDQPSRRLYE							
	LHTYHSSLTCFSE							
	GMTM							
mT405	VSEKMWGCCPNH	80	90	100	110	120	130	140
	WKSFSSCYLIST							
	KENFWSTSEQNC							
	VQMGHLVVINTE							
	AEQNFITQQLN							
	ESLSYFLGL							
Dectin	VSEKMWGCCPNH	80	90	100	110	120	130	140
	WKSFSSCYLIST							
	KENFWSTSEQNC							
	VQMGHLVVINTE							
	AEQNFITQQLN							
	ESLSYFLGL							
mT405	SDPKVMAN---	150	160	170	170			
	GNGSMILLSVKM							
	SGSGTGMNP---							
	IF-----							
	QKSGVVFQ							
Dectin	SDPQNGKQWIDD	150	160	170	180	190	200	
	TPFSQNVRFWHP							
	HEPNLPEERCVS							
	IVYWNPSKWGW							
	NDVFCDSKHNS							
	ICEMKKIYL							

Fig. 4L

hT405	MMQEQPQST	TEKRGWLS	RLWSVAGI	SIALLSAC	FIVSCVVT	YHFTYGET	KGRLSEL	SHSYHSSL	TCFSE	70
Dectin	MVQERQSQ	KGVC-W	-TIRLSAA	VISMILL	STCFIASC	VVTYQF	IMDQPS	RRLYEL	HTYHSSL	70
hT405	TKVPA--	WGCCPAS	WKSFGS	SCYFIS	SEKVVW	KSEQNC	VCVEMG	AHLVVF	NTAEAE	140
Dectin	TMVSEKM	WGCCPN	HWKSF	GSSCYL	ISTKEN	FWSTSE	QNCVQ	MGHLV	VINTEAE	140
hT405	GLSDPQ	GNNWQ	WIDKTP	EKNVRF	WHLGEP	NHSAEQ	CAIVFW	KPTG	WGWN	200
Dectin	GLSDPQ	GNGKW	QWID	TPFSQ	NVRFW	HPHEPN	LPEERC	VSIVY	WNPSK	200

Fig. 4M

FIGURE 4

CGACCCCGCG	TCCGCTGACT	TCTGGGTTTG	CAGCATTGGC	CCGCTCTGTG	GCATTAACT	60
CAAGTGTGTG	TGGAAGTTGA	TTCTGAACATC	TGGCCTCTTT	GACAGAAGCC	AGTCCCTGA	120
GTCGTATTTT	GGAGACAGAT	GCAAGAAACC	CCTGACCTTC	TGAACATACA	CCTCAACA	178
ATG GTG CAG GAA AGA CAA TCC CAA GGG AAG GGA GTC TGC TGG ACC CTG						226
Met Val Gln Glu Arg Gln Ser Gln Gly Lys Gly Val Cys Trp Thr Leu						
1 5 10 15						
AGA CTC TGG TCA GCT GCT GTG ATT TCC ATG ATG TTA CTC TTG AGT ACC TGT						274
Arg Leu Trp Ser Ala Ala Val Ile Ser Met Leu Leu Ser Thr Cys						
20 25 30						
TTC ATT GCG AGC TGT GTG GTG ACT TAC CAA TTT ATT ATG GAC CAG CCC						322
Phe Ile Ala Ser Cys Val Val Thr Tyr Gln Phe Ile Met Asp Gln Pro						
35 40 45						
AGT AGA AGA CTA TAT GAA CTT CAC ACA TAC CAT TCC AGT CTC ACC TGC						370
Ser Arg Arg Leu Tyr Glu Leu His Thr Tyr His Ser Ser Leu Thr Cys						
50 55 60						
TTC AGT GAA GGG ACT ATG GTG TCA GAA AAA ATG TGG GGA TGC TGC CCA						418
Phe Ser Glu Gly Thr Met Val Ser Glu Lys Met Trp Gly Cys Pro						
65 70 75 80						

Fig. 4N

TGGTTGTTGG

AAT CAC TGG AAG TCA TTT GGC TCC AGC TGC TAC CTC ATT TCT ACC AAG	466
Asn His Trp Lys Ser Phe Gly Ser Ser Cys Tyr Leu Ile Ser Thr Lys	95
	90
	85
	100
GAG AAC TTC TGG AGC ACC AGT GAG CAG AAC TGT GTT CAG ATG GGG GCT	514
Glu Asn Phe Trp Ser Thr Ser Glu Gln Asn Cys Val Gln Met Gly Ala	110
	105
	120
CAT CTG GTG GTG ATC AAT ACT ACT GAA GCG GAG CAG AAT TTC ATC ACC CAG	562
His Leu Val Val Ile Asn Thr Glu Ala Glu Gln Asn Phe Ile Thr Gln	125
	115
CAG CTG AAT GAG TCA CTT TCT TAC TTC CTG GGT CTT TCG GAT CCA CAA	610
Gln Leu Asn Glu Ser Leu Ser Tyr Phe Leu Gly Leu Ser Asp Pro Gln	140
	135
	130
GGT AAT GGC AAA TGG CAA TGG ATC GAT GAT ACT CCT TTC AGT CAA AAT	658
Gly Asn Gly Lys Trp Gln Trp Ile Asp Asp Thr Pro Phe Ser Gln Asn	160
	155
	150
GTC AGG TTC TGG CAC CCC CAT GAA CCC AAT CTT CCA GAA GAG CGG TGT	706
Val Arg Phe Trp His Pro His Glu Glu Pro Glu Glu Arg Cys	175
	170
	165

Fig. 40

TTGTTGTTGG

GTT TCA ATA GTT TAC TGG AAT CCT TCG AAA TGG GGC TGG AAT GAT GTT	754
Val Ser Ile Val Tyr Trp Asn Pro Ser Lys Trp Gly Trp Asn Asp Val	
180 185 190	
TTC TGT GAT AGT AAA CAC AAT TCA ATA TGT GAA ATG AAG AAG ATT TAC	802
Phe Cys Asp Ser Lys His Asn Ser Ile Cys Glu Met Lys Lys Ile Tyr	
195 200 205	
CTA TGA GTGCCCTGTGA TTCATTAATA TCTTTAAAGT TCAGACCTAC CAAGAAGCCA	858
Leu *	
TAACTTCTTG GCCTGTACAT CTGACAGAGG CCGTTCCTTT CCTAGCCACT ATTCCTTACT	918
CAAAACAGAAAT GAGCCCTTTC TCCTTCTGAT GGTAGAGTT TTGTCAACTT GACACAAACT	978
AGAGTCACCT GGGGAGTAGG ATCTTCAGCT AAGGAATTGC CTCTGTCAGC TTGACCCAGTC	1038
AGCATGTCTG GGGGCATTTT CTTGATTAAAT GATTGTTGTA AGAGGGTCCA GGTGGTAAGC	1098
AAAGGTGTTA AACCCATGAA GAGCAAGCCA GGGAGCATCA TCCATCCATC TCTGCCCTCA	1158
GGTTTCTGCC CCAGGGTCTT GCCCTGGTTT CTTTCTATGA ACTGCTGTTA CTTGAAAGTA	1218
TAAGATGAAT AAACAATTTC ATCCAAAAAA AAAA	1252

Fig. 4P

GTCGACCCACGCGTCGGAAACCATTCACCAATCACCCCTCCTGAGGAACCTTAGCACTGCATAAAGT	68
GTCTGAGTTTGTAAATCAGATATTGCACACTGGTTCCCTTCAAAACAGACATGACAGGAGCTGGCTTTGG	138
GCTAGGCTGCTCCTTGGCTATGATGGGGAAGTTAAACCCCTACAGGGCTTATGTATGTGGAACCTGTT	208
GGAACACTGATTAAATGGGATGGACTTCACCTTAACACTCTTGATTTCCAATATTATGTTTGTAGTAAAAG	278
M Q S H L 5	
AACTGCTATCCACAAAACACCATTAATCCTTTAGGGAGGCAGAAAAGGCCAGA ATG CAA AGC CAT CTT	345
F I T L G S V F L L L W A F I W G G	23
TTC ATT ACA CTA GGG TCT GTC TTT TTA CTT CTC TGG GCC TTT ATC TGG GGA GGG	399
H V S P T W N S E P G Q D S N L W A	41
CAT GTT TCC CCC ACT TGG AAC AGT GAG CCT GGC CAG GAC AGT AAC CTG TGG GCT	453
C D D I I S N R E W E R M L A S Q V	59
TGT GAT GAC ATT ATT TCT AAT AGG GAA TGG GAA AGG ATG TTA GCT TCT CAG GTT	507
L K C P G G E E K G R H E K E T M K	77
TTA AAG TGT CCT GGA GGA GAA GAG AAA GGA CAT GAG AAG GAG ACA ATG AAG	561
K M G E G E I V	85
AAG ATG GGT GAG GGG GAG ATA GTG TAAGACCCCTGAGAATGGCATAGGGTAAACTGGGACAG	623
AGATACTGTGGAGAACGATAGCTGCAGAGGGACAGAGGGAGGAGGAGGAGAGGAGGAGATATAAA	693
ACAGTTTGGAGAAACTCTCACAAATACATTTCATAAGAACGACAAAGAACCCCAATAAAATGGGCAACAGATA	763
CCACAGAAGATGATATATTGAGTGGCCCAATAAAATACATAAAATAATGCTCAACATCTATAATTACGAGG	833
AAATGCCAAATTAAAAGCACTGTGAGATACCACTACACACTGATGAGAATGGCTAAATCAAAAAAGACCA	903
ACCAGCACTTTGGGAGCCGAGGTGGCGGATCATGAGGTGAGGAGTTTGAGACTAGCCTGACCAACATG	973

Fig. 5A

TTT TTTT

GTGAAACCCCTGTCTACTAAACATACAAAAATTAGCTGGGGTGGTGGCATGCGCCTGTAATTCAGCT 1043
ACTCAGGAGGCTGAGGCAGGAGAAATCGCTTGAACCCAGGAGGCAGAGATTACAGTGAGCCGAGATCATGC 1113
CCTTGCACTCTAGCCTGGGTGACAGAGCGAGACTCTGTCTTAAAAAATAAAAAAATAAAAAAATAAAAAA 1183
AAAAAAAAGGGCGGGCCGC 1202

Fig. 5B

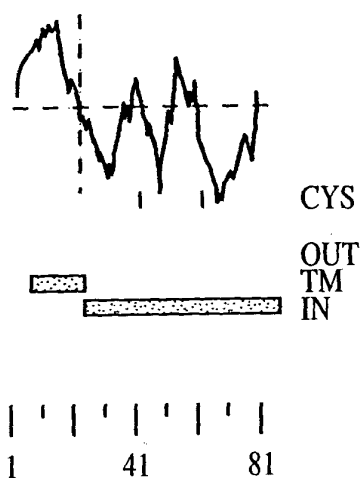


FIG. 5C